

Informática biomédica

Exposición

Rodrigo Santamaría

AKA Bioinformática

Objetivos

- Buscamos terminar la asignatura con las siguientes habilidades
 1. Comprender **problemas biológicos** básicos
 2. Conocer las **soluciones algorítmicas** disponibles para distintos problemas bioinformáticos
 3. **Implementar** dichos algoritmos
 4. Analizar las implicaciones **estadísticas** y de **rendimiento** de las soluciones bioinformáticas

Enfoque

- Integrar en las clases cuatro aspectos:
 1. Teoría sobre los problemas biológicos
 2. Algoritmos bioinformáticos
 3. Implementación de dichos algoritmos
 4. Implicaciones estadísticas/computacionales

Entorno

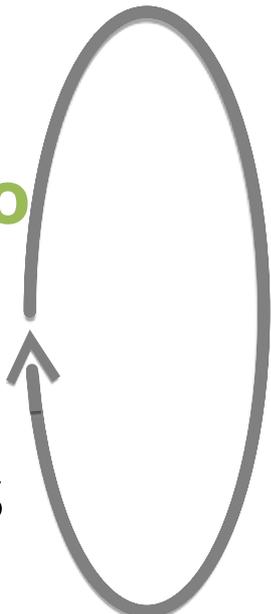
- Entorno biológico: **genómica y transcriptómica**
 - Análisis del DNA y RNA
 - Hay más enfoques (p .ej. proteómica)
- Entorno informático: **python**
 - Lenguaje muy usado en bioinformática
 - Sencillo de aprender
 - Sintaxis clara

Entorno de Desarrollo

- **Spyder***
- La instalación es muy sencilla si se utiliza el gestor **Anaconda**
 - <https://www.anaconda.com/download/>
 - Instala directamente python, Spyder y otras bibliotecas (ipython, numpy, scipy, etc.)
 - Instalado en el Aula SUN: `>spyder &`
 - Importante: gestión de entornos

*Podéis usar cualquier otro lenguaje o IDE, simplemente, yo podré daros más soporte en esta configuración: python+spyder

Dinámica

- No dividiremos teoría y práctica
 - Rutina:
 - Describiremos un **problema biológico**
 - Revisaremos las **soluciones bioinformáticas**
 - **Implementaremos** dichas soluciones
 - **Analizaremos** aspectos computacionales/estadísticos (si procede)
- 

Evaluación

- Cada tema irá acompañado de una serie de ejercicios (ver documento *Evaluación.pdf*)
- Sistema de puntos a la entrega correcta
 - Mediante un servicio web
- La nota será proporcional a los puntos conseguidos

Temario

1. Orígenes de replicación - Python

2. Cajas de DNA - Patrones

3. Ensamblado - Grafos de De Bruijn

4. Genomas - BWT

5. Transcripción - Clustering

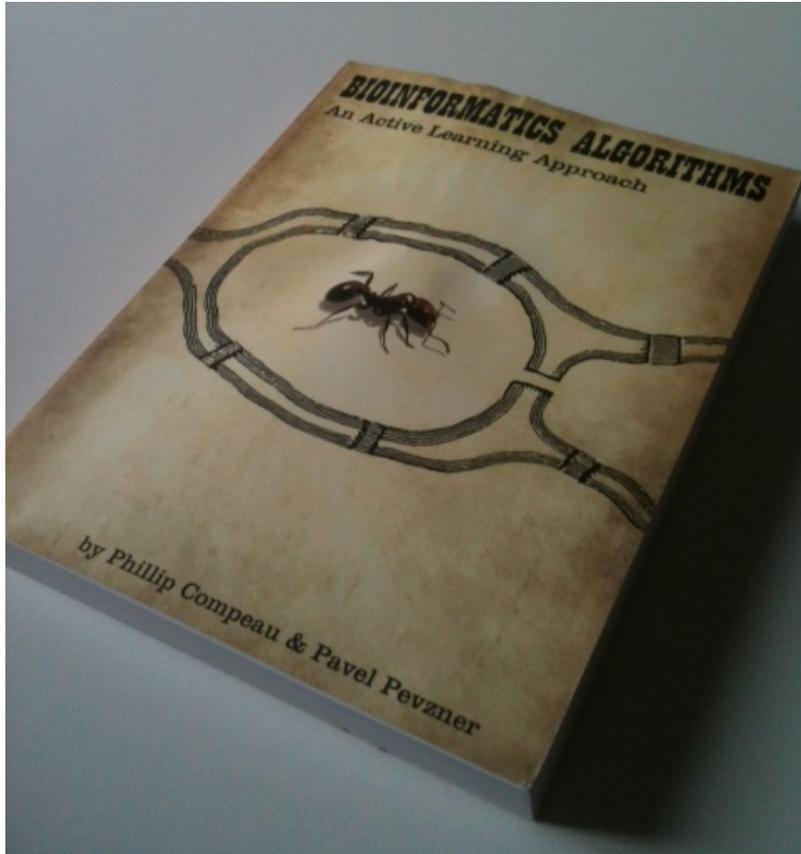
SESIÓN 1

SESIÓN 2

Temario

- En el curso veremos sólo una parte de toda la bioinformática, en particular relacionada con el **análisis de secuencia (S1) y expresión (S2)**
- Existen otros muchos aspectos
 - Análisis proteómico
 - Análisis filogenético
 - Alineamiento de secuencias
 - Análisis de imágenes 3D

Bibliografía



- **Bioinformatics Algorithms: an active learning approach.** P. Compeau and P. Pevzner. Active Learning Publishers, 2014
 - Una copia disponible en Abraham Zacut: AZ/2/681.3, COM bio
 - Un segundo volumen aún no disponible en la biblioteca
- Bioinformática a nivel de usuario:
 - **Bioinformatics for Dummies.** T Roddend Robinson. Wiley Publishing, 2005
 - **Bioinformatics and Functional Genomics.** Jonathan Pevsner, 2nd Ed. Wiley Publishing, 2009
- Biología: conceptos básicos
 - **The Cell, A very Short Introduction.** T. Allen and G. Cowling. Oxford University Press, 2011

Bibliografía

- **Bioinformatics Algorithms: an active learning approach.**
 - Basado en un curso de Coursera
 - <https://www.coursera.org/specializations/bioinformatics>
 - Constituirá la base de la asignatura, por temas:
 - Tema 1 → Capítulo 1
 - Tema 2 → Capítulo 3
 - Tema 3 → Capítulo 3
 - Tema 4 → Capítulo 4
 - Tema 5 → Capítulo 7
 - Tema 6 → Capítulo 8 (Vol II)
 - Las figuras no propias y sin referencia proceden de este libro o del curso asociado.

Tutorías y contacto

- **Tutorías:**
 - Jueves de 10 a 12h
 - Previa cita (correo)
 - Online (studium)
 - Casa del Parque #1
- **Contacto:**
 - rodri@usal.es

